```
CCGGGA_GGTCTCTGGGCTGAGGCGGCGACAGCTCCTCTAGTTCCACCATGTCCGCGGGC      59
||||||  |||||||  ||||||||||||||  |  ||||||||||||||||  ||||||  |||||
CCGGGACGGTCTCTAGGCTGAGGCGGCGGCCGCTCCTCTAGTTCCACAATGTCCACGGGC      82


GGAGACTTCGGGAATCCGCTGAGGAAATTCAAGCTGGTGTTCCTGGGGGAGCAAAGCGTT     119
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||,|||||||||||||
GGAGACTTCGGGAATCCGCTGAGGAAATTCAAGCTGGTGTTCCTGGGGGAGCAAAGCGTT     142


GCAAAGACATCTTTGATCACCAGATTCAGGTATGACAGTTTTGACAACACCTATCAGGCA     179
| |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
GGAAAGACATCTTTGATCACCAGATTCATGTATGACAGTTTTGACAACACCTATCAGGCA     202


ATAATTGGCATTGACTTTTTATCAAAAACTATGTACTTGGAGGATGGAACAATCGGGCTT     239
| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||' |||||  |   |   |
ACAATTGGCATTGACTTTTTATCAAAAACTATGTACTTGGAGGATCGAACAGTACGATTG     262


CGGCTGTGGGATACGGCGGGTCAGGAACGTCTCCGTAGCCTCATTCCCAGGTACATCCGT     299
|   |  |||||| ||  ||  |||||  ||  ||  ||  || |  |||||  ||  |||||  |||
CAATTATGGGACACAGCAGGTCAAGAGCGGTTCAGGAGCTTGATTCCTAGCTACATTCGT     322


GATTCTGCTGCAGCTGTAGTAGTTTACGATATCACAAATGTTAACTCATTCCAGCAAACT     359
|| ||  |||   || || ||  ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
GACTCCACTGTGGCAGTTGTTGTTTATGATATCACAAATGTTAACTCATTCCAGCAAACT     382
```

FIG.1a

```
ACAAAGTGGATTGATGATGTCAGAACAGAAAGAGGAAGTGATGTTATCATCACGCTAGTA     419
|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
ACAAAGTGGATTGATGATGTCAGAACAGAAAGAGGAAGTGATGTTATCATCATGCTAGTA     442


GGAAATAGAACAGATCTTGCTGACAAGAGGCAAGTGTCAGTTGAGGAGGGAGAGAGGAAA     479
|||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
GGAAATAAAACAGATCTTGCTGACAAGAGGCAAGTGTCAATTGAGGAGGGAGAGAGGAAA     502


GCCAAAGGGCTGAATGTTACGTTTATTGAAACTAGGGCAAAAACTGGATACAATGTAAAG     539
||||||| |||||||||| |||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||
GCCAAAGAGCTGAATGTTATGTTTATTGAAACTAGTGCAAAAGCTGGATACAATGTAAAG     562


CAGCTCTTTCGACGTGTAGCAGCAGCTTTGCCGGGAATGGAAAGCACACAGGACGGAAGC     599
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
CAGCTCTTTCGACGTGTAGCAGCAGCTTTGCCGGGAATGGAAAGCACACAGGACAGAAGC     622


AGAGAAGACATGAGTGACATAAAACTGGAAAAGCCTCAGGAGCAAACAGTCAGCGAAGGG     659
|||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||||
AGAGAAGATATGATTGACATAAAACTGGAAAAGCCTCAGGAGCAACCAGTCAGTGAAGGA     682


GGTTGTTCCTGCTACTCTCCCATGTCATCTTCAACCCTTCCTCAGAAGCCCCCTTACTCT     719
|| |||||||||||| | |||| ||||||||||||| ||| ||||||| | || || |
GGCTGTTCCTGCTAATGTCCCTAGTCATCTTCAACC_TTCTTCAGAAGCTCACT_GCTTT     740
```


FIG.1b

```
MSAGGDFGNPLRKFKLVFLGEQSVAKTSLITRFRYDSFDNTYQAIIGIDFLSKTMYLEDG    60
MS GGDFGNPLRKFKLVFLGEQSV KTSLITRF YDSFDNTYQA IGIDFLSKTMYLED
MSTGGDFGNPLRKFKLVFLGEQSVGKTSLITRFMYDSFDNTYQATIGIDFLSKTMYLEDR    60


TIGLRLWDTAGQERLRSLIPRYIRDSAAAVVVYDITNVNSFQQTTKWIDDVRTERGSDVI   120
T+ L+LWDTAGQER RSLIP YIRDS  AVVVYDITNVNSFQQTTKWIDDVRTERGSDVI
TVRLQLWDTAGQERFRSLIPSYIRDSTVAVVVYDITNVNSFQQTTKWIDDVRTERGSDVI   120


ITLVGNRTDLADKRQVSVEEGERKAKGLNVTFIETRAKTGYNVKQLFRRVAAALPGMEST   180
I LVGN+TDLADKRQVS+EEGERKAK LNV FIET AK GYNVKQLFRRVAAALPGMEST
IMLVGNKTDLADKRQVSIEEGERKAKELNVMFIETSAKAGYNVKQLFRRVAAALPGMEST   180


QDGSREDMSDIKLEKPQEQTVSEGGCSC    208
QD SREDM DIKLEKPQEQ VSEGGCSC
QDRSREDMIDIKLEKPQEQPVSEGGCSC    208
```
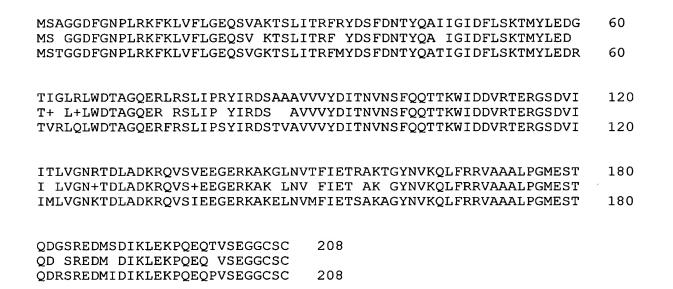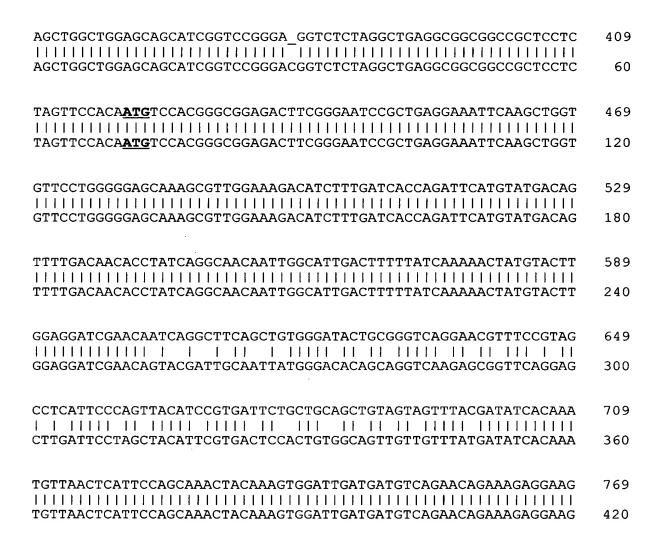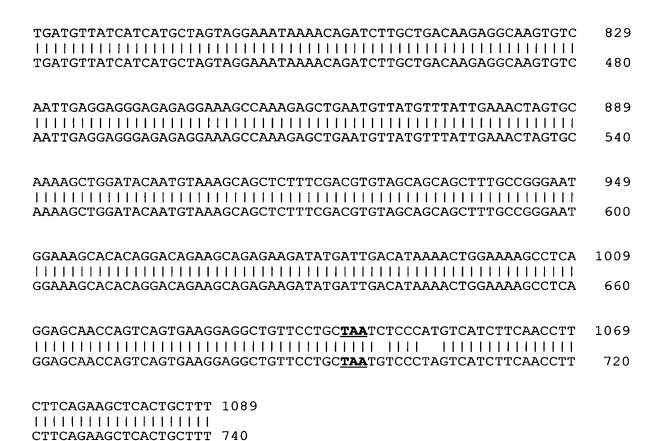
FIG. 2

```
AGCTGGCTGGAGCAGCATCGGTCCGGGA_GGTCTCTAGGCTGAGGCGGCGGCCGCTCCTC    409
|||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
AGCTGGCTGGAGCAGCATCGGTCCGGGACGGTCTCTAGGCTGAGGCGGCGGCCGCTCCTC     60


TAGTTCCACAATGTCCACGGGCGGAGACTTCGGGAATCCGCTGAGGAAATTCAAGCTGGT    469
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TAGTTCCACAATGTCCACGGGCGGAGACTTCGGGAATCCGCTGAGGAAATTCAAGCTGGT    120


GTTCCTGGGGGAGCAAAGCGTTGGAAAGACATCTTTGATCACCAGATTCATGTATGACAG    529
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GTTCCTGGGGGAGCAAAGCGTTGGAAAGACATCTTTGATCACCAGATTCATGTATGACAG    180


TTTTGACAACACCTATCAGGCAACAATTGGCATTGACTTTTTATCAAAAACTATGTACTT    589
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TTTTGACAACACCTATCAGGCAACAATTGGCATTGACTTTTTATCAAAAACTATGTACTT    240


GGAGGATCGAACAATCAGGCTTCAGCTGTGGGATACTGCGGGTCAGGAACGTTTCCGTAG    649
|||||||||||| |   |   | ||  |  ||||| ||  || |||||  ||  ||| | ||
GGAGGATCGAACAGTACGATTGCAATTATGGGACACAGCAGGTCAAGAGCGGTTCAGGAG    300


CCTCATTCCCAGTTACATCCGTGATTCTGCTGCAGCTGTAGTAGTTTACGATATCACAAA    709
| | |||||| || ||||| ||||| ||  |||  ||  || || |||||  ||||||||||
CTTGATTCCTAGCTACATTCGTGACTCCACTGTGGCAGTTGTTGTTTATGATATCACAAA    360


TGTTAACTCATTCCAGCAAACTACAAAGTGGATTGATGATGTCAGAACAGAAAGAGGAAG    769
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGTTAACTCATTCCAGCAAACTACAAAGTGGATTGATGATGTCAGAACAGAAAGAGGAAG    420
```

FIG. 3a

```
TGATGTTATCATCATGCTAGTAGGAAATAAAACAGATCTTGCTGACAAGAGGCAAGTGTC    829
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
TGATGTTATCATCATGCTAGTAGGAAATAAAACAGATCTTGCTGACAAGAGGCAAGTGTC    480


AATTGAGGAGGGAGAGAGGAAAGCCAAAGAGCTGAATGTTATGTTTATTGAAACTAGTGC    889
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AATTGAGGAGGGAGAGAGGAAAGCCAAAGAGCTGAATGTTATGTTTATTGAAACTAGTGC    540


AAAAGCTGGATACAATGTAAAGCAGCTCTTTCGACGTGTAGCAGCAGCTTTGCCGGGAAT    949
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
AAAAGCTGGATACAATGTAAAGCAGCTCTTTCGACGTGTAGCAGCAGCTTTGCCGGGAAT    600


GGAAAGCACACAGGACAGAAGCAGAGAAGATATGATTGACATAAAACTGGAAAAGCCTCA   1009
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
GGAAAGCACACAGGACAGAAGCAGAGAAGATATGATTGACATAAAACTGGAAAAGCCTCA    660


GGAGCAACCAGTCAGTGAAGGAGGCTGTTCCTGC**TAA**TCTCCCATGTCATCTTCAACCTT   1069
||||||||||||||||||||||||||||||||||||   ||||   ||||||||||||||
GGAGCAACCAGTCAGTGAAGGAGGCTGTTCCTGC**TAA**TGTCCCTAGTCATCTTCAACCTT    720


CTTCAGAAGCTCACTGCTTT   1089
||||||||||||||||||||
CTTCAGAAGCTCACTGCTTT    740
```

FIG. 3b

MSTGGDFGNPLRKFKLVFLGEQSVGKTSLITRFMYDSFDNTYQATIGIDFLSKTMYLEDR　　60
MSTGGDFGNPLRKFKLVFLGEQSVGKTSLITRFMYDSFDNTYQATIGIDFLSKTMYLEDR
MSTGGDFGNPLRKFKLVFLGEQSVGKTSLITRFMYDSFDNTYQATIGIDFLSKTMYLEDR　　60

TIRLQLWDTAGQERFRSLIPSYIRDSAAAVVVYDITNVNSFQQTTKWIDDVRTERGSDVI　　120
T+RLQLWDTAGQERFRSLIPSYIRDS　　AVVVYDITNVNSFQQTTKWIDDVRTERGSDVI
TVRLQLWDTAGQERFRSLIPSYIRDSTVAVVVYDITNVNSFQQTTKWIDDVRTERGSDVI　　120

IMLVGNKTDLADKRQVSIEEGERKAKELNVMFIETSAKAGYNVKQLFRRVAAALPGMEST　　180
IMLVGNKTDLADKRQVSIEEGERKAKELNVMFIETSAKAGYNVKQLFRRVAAALPGMEST
IMLVGNKTDLADKRQVSIEEGERKAKELNVMFIETSAKAGYNVKQLFRRVAAALPGMEST　　180

QDRSREDMIDIKLEKPQEQPVSEGGCSC　　208
QDRSREDMIDIKLEKPQEQPVSEGGCSC
QDRSREDMIDIKLEKPQEQPVSEGGCSC　　208

FIG. 4

A   W

←— WTH3

←— β-actin

FIG. 5

MCF7

W R

← GPDH

FIG. 6

603 bp
β-actin
310 bp
Rab6

— Rab6c

FIG. 7

FIG. 8

FIG. 9

MW 79 119 121 122 138 172 NR   WTH3 β-actin

a

MW 1 4 7 16 18 24 37 NR   WTH3 β-actin

b

MW 23 32 35 NR   WTH3 β-actin   N

c

FIG. 10